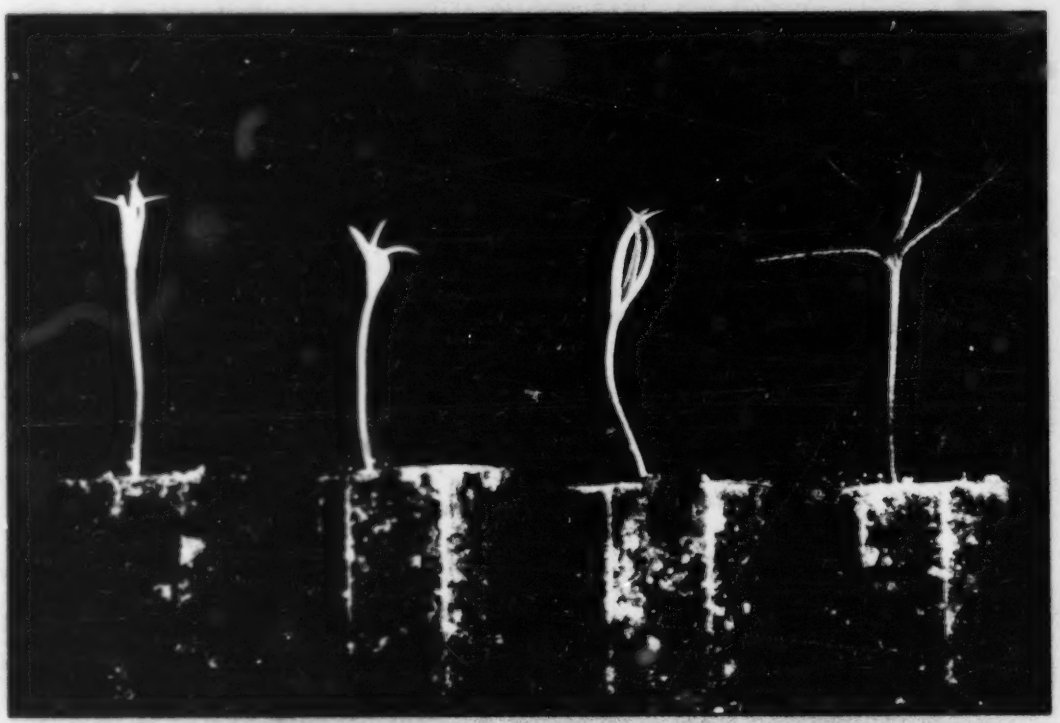
Gouvernement du Canada
Service canadien des forêts

Government of Canada
Canadian Forestry Service

Croissance décennale en hauteur de familles d'épinettes noires obtenues par pollinisation libre en Ontario

T.J.B. Boyle

Rapport d'information PI-X-61F
Institut forestier national de Petawawa



87-02436/

INSTITUT FORESTIER NATIONAL DE PETAWAWA

Le mandat de l'Institut forestier national de Petawawa, comme celui des autres établissements du Service canadien des forêts, est de promouvoir une meilleure gestion et une utilisation plus rationnelle des ressources forestières du Canada, pour le bien économique et social de tous les Canadiens. Les objectifs des activités des programmes menés à l'institut appuient ce mandat à travers la découverte, le développement, la démonstration, l'application et le transfert des innovations. En tant qu'institut national, il doit s'attacher à des problèmes qui débordent le cadre régional ou qui nécessistent des compétences particulières de même qu'un équipement non disponible aux installations régionales du Service canadien des forêts. La plupart du temps, ses recherches sont effectuées en étroite collaboration avec le personnel des centres régionaux ou des services forestiers des provinces. Les projets de recherche et les services techniques de l'institut sont regroupés sous six principales activités:

GÉNÉTIQUE FORESTIÈRE ET BIOTECHNOLOGIE – Ce programme encadre des projets sur la génétique forestière, la microbiologie, la micropropagation, la génétique moléculaire et la recherche sur les semences. Il comprend également les services à la clientèle et la banque de semences du Centre national de semences forestières. Ce centre existe depuis longtemps et est lié à plusieurs organismes internationaux.

SYSTÈMES D'AMÉNAGEMENT FORESTIER – Ce programme intègre en recherche et développement, des projets sur les incendies de forêt, la télédétection, la météorologie, la modélisation, la croissance et la récolte, et le RIMA. Il permet ainsi l'élaboration et la démonstration de systèmes d'aménagement forestier.

STATISTIQUES NATIONALES SUR LA RESSOURCE FORESTIÈRE – Communément appelé FORSTATS, ce programme assure la coordination de l'acquisition, de la normalisation et de la publication de statistiques nationales sur les forêts du Canada. Il est aussi chargé de répondre aux demandes de renseignements de la clientèle.

SYSTÈMES DE DONNÉES FORESTIÈRES – Ce programme fournit la compétence et les systèmes informatisés nécessaires à la gestion des données acquises dans le cadre de FORSTATS et des projets de recherche à l'IFNP. Il comprend en outre un service de consultation en informatique pour les hauts fonctionnaires du SCF.

COMMUNICATIONS – Ce programme regroupe les activités de la bibliothèque et des projets touchant la sensibilisation du public, l'information, la rédaction-révision et les publications. L'institut reçoit plus de 20 000 visiteurs chaque année. Le Centre d'accueil, des visites autoguidées et un programme éducatif complet sont ouverts à tous. C'est à l'IFNP que l'on trouve l'entrepôt national de toutes les publications scientifiques du SCF.

LA FORÊT EXPÉRIMENTALE – Outre des peuplements naturels où l'on applique divers traitements dans le cadre de projets de recherche en sylviculture, la Forêt de Petawawa, mesurant 98 km^2, comprend de vastes superficies de plantations âgées de plus de 60 ans. Ces plantations expérimentales permettent d'obtenir des données sur la croissance et la récolte à la suite d'expériences de culture. Elles fournissent du matériel génétique dont le lignage est répertorié, et se révèlent de plus en plus utiles pour les études sur la micropropagation et la génétique moléculaire. La forêt permet également de mettre à l'essai des stratégies d'aménagement forestier à court et à long terme.

CROISSANCE DÉCENNALE EN HAUTEUR DE FAMILLES D'ÉPINETTES NOIRES OBTENUES PAR POLLINISATION LIBRE EN ONTARIO

Rapport d'information PI-X-61F

T.J.B. Boyle

Institut forestier national de Petawawa
Service canadien des forêts
Chalk River, Ontario

1986

©Ministre des Approvisionnements et Services Canada, 1986
N° de catalogue Fo46-11/61-1986F
ISSN 0228-0736
ISBN 0-662-93932-8

Des exemplaires de cette publication peuvent être obtenus à l'adresse suivante:

Centre d'information technique et de distribution
Institut forestier national de Petawawa
Chalk River (Ontario)
K0J 1J0

N° de téléphone: 613-589-2880

This publication is also available in English under the title **Ten-year height growth of open-pollinated black spruce families in Ontario.**

Table des matières

v Résumé/Abstract

1 Introduction

2 Matériel et méthodes

11 Résultats et discussion

22 Conclusions

23 Remerciements

23 Références

Tableaux

3 1. Populations échantillonnées
5 2. Emplacement des plantations expérimentales
7 3. Tableaux d'analyse de la variance
12 4. Estimations des composantes de la variance et des héritabilités au sens strict pour chaque plantation expérimentale et pour chaque série de tests
15 5. Corrélations génétiques entre les rangs à 10 ans parmi tous les sites expérimentaux dans chacune des séries
15 6. Analyses de grappes des données sur le rang des familles à 10 ans
19 7. Les 20 familles les plus hautes dans chacune des zones d'amélioration génétique, leur hauteur à 10 ans et le classement des peuplements

Page-couverture: Semis d'épinette noire

RÉSUMÉ

Ce rapport présente les résultats de la croissance décennale en hauteur de trois séries de tests de descendance de l'épinette noire (Picea mariana [Mill.] B.S.P.), obtenue par pollinisation libre, dans trois régions du nord de l'Ontario. Dans chaque plantation expérimentale, l'héritabilité estimative au sens strict variait de 0 à 0,399 dans le cas des arbres pris individuellement et de 0 à 0,896 dans le cas des familles, la moyenne étant respectivement de 0,169 et 0,663. Dans l'ensemble des plantations, elle variait de 0,099 à 0,152 dans le cas des arbres pris individuellement et de 0,836 à 0,930 dans celui des familles, la moyenne étant respectivement de 0,124 et 0,884. Dans les trois séries, l'interaction famille-milieu était significative.

Par l'analyse de grappes se recouvrant partiellement, on a délimité dans chaque région quatre ou cinq zones d'amélioration génétique. Des zones d'amélioration sont proposées. Dans la mesure du possible, elles s'inspirent à la fois des zones d'amélioration génétique et des limites administratives.

ABSTRACT

Results are presented of 10-year height growth in three series of open-pollinated progeny tests of black spruce (Picea mariana (Mill.) B.S.P.), in three site regions of northern Ontario. Estimates of narrow sense heritability from individual test sites ranged from 0 to 0.399 for single trees and from 0 to 0.896 for families, with averages of 0.169 and 0.663 respectively. Estimates from multi-location analyses ranged from 0.099 to 0.152, with an average of 0.124 for single trees, and from 0.836 to 0.930, with an average of 0.884 for families. The family x environment interaction was significant in all three series.

By means of an overlapping cluster analysis method, four or five genetic breeding zones were delineated for each site region. Proposals are made for breeding zones which, as far as possible, take account of both genetic breeding zones and administrative boundaries.

CROISSANCE DÉCENNALE EN HAUTEUR DE FAMILLES D'ÉPINETTES NOIRES OBTENUES PAR POLLINISATION LIBRE EN ONTARIO

INTRODUCTION

Les progrès, dans le domaine des plantations d'enrichissement, dépendent de l'adoption de stratégies d'amélioration génétique optimales. La conception d'une stratégie adéquate est, quant à elle, déterminée par les caractéristiques génétiques et sylvicoles de l'espèce. Étant donné que la forme de la cime ou de la tige chez l'épinette noire (Picea mariana [Mill.] B.S.P.) présente généralement peu de variation, la principale caractéristique sur laquelle devrait être fondée la sélection est le rythme de croissance (Morgenstern, 1975). Pour de nombreuses espèces, on a montré que l'héritabilité au sens strict du volume ou de la croissance en hauteur était relativement faible (Zobel et Talbert, 1984). Morgenstern (1973) a démontré la même chose pour l'épinette noire de pépinière. De plus, l'épinette noire produit régulièrement et de façon prolifique des graines à partir de l'âge de six ans environ (Heinselman, 1957). Ces facteurs ont entraîné la mise au point de stratégies d'amélioration génétique pour l'épinette noire fondées sur la création de vergers à graines et sur des tests de descendance par pollinisation libre (Coles, 1979; Rauter, 1980).

En 1970, l'Institut forestier national de Petawawa a commencé à réaliser trois séries de tests de descendance par pollinisation libre dans les trois régions écologiques de l'Ontario (Hills, 1961) où l'épinette noire est une espèce commerciale importante. Grâce à ces tests, on vise à:

a) obtenir des paramètres génétiques destinés à aider la planification de programmes d'amélioration génétique, et
b) identifier les familles supérieures afin de pouvoir les inclure dans les vergers à graines (Morgenstern, 1978).

Afin de pouvoir estimer l'héritabilité à partir de tests de descendance par pollinisation libre, certaines hypothèses doivent être posées:

1. L'hérédité mendélienne régulière d'un organisme diploïde
2. Il y a équilibre de liaison
3. La descendance ne résulte pas d'endogamie
4. La descendance est composée de membres choisis au hasard dans une population sans endogamie
5. Les descendants d'une même famille constituent des demi-fratries
6. Il n'y a pas d'épistasie
7. Il n'y a pas d'effets maternels (Stonecypher, 1966).

Il se pourrait que plusieurs de ces hypothèses, notamment les numéros 3, 4 et 5, soient de sorte qu'il pourrait y avoir des surestimations de l'héritabilité (Namkoong, 1966; Squillace, 1974). Certes, des tests par pollinisation contrôlée donneraient sans doute des estimations plus fiables de l'héritabilité, mais la facilité et la vitesse avec laquelle les tests par pollinisation libre peuvent être réalisés permettent d'obtenir rapidement des estimations à partir de grands échantillons de matériel (Morgenstern, 1975). Cela est

particulièrement important pour l'épinette noire étant donné la rareté des estimations publiées sur l'héritabilité, notamment pour les arbres plus âgés. L'héritabilité au sens strict a été estimée pour des arbres pris individuellement à l'aide de divers tests de descendance par pollinisation libre et contrôlée, et variait de 0,18 à 0,42 pour la croissance en hauteur de l'épinette noire (Morgenstern, 1973, 1974, 1975; Giberson, 1983). Toutefois, les arbres les plus vieux soumis à cette estimation n'avaient que cinq ans.

Hills (1961) a délimité de vastes régions d'étude en Ontario, fondées sur des données écologiques; la région 3E a une superficie de 115 000 km² (carte 1). À cause des variations de la réponse relative des populations et de leurs familles à divers milieux, il serait normal que chaque région étudiée soit divisée en un certain nombre de zones d'amélioration génétique distinctes ou se recouvrant partiellement, à l'intérieur desquelles des parents différents servent à établir les populations de reproduction et de production de graines. Les résultats de tests de descendance effectués dans plusieurs plantations peuvent être utiles pour aider à délimiter ces zones d'amélioration génétique. À l'heure actuelle en Ontario, chaque région administrative étant responsable de la conception et de la mise en application de son propre programme d'enrichissement des plantations, des stratégies très diverses sont parfois adoptées par des régions voisines (J.V. Hood, communication personnelle). Afin d'optimiser les gains génétiques, il apparaît tout à fait essentiel de formuler des lignes directrices en matière de génétique pour permettre la délimitation des zones d'amélioration génétique.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Dans chacune des trois régions étudiées, sept à neuf populations ont été échantillonnées. Pour chacune des populations, des graines obtenues par pollinisation libre ont été prélevées pour 4 à 36 arbres (tableau 1, carte 1). Pour les trois séries de tests, les plantations ont été faites selon un plan de blocs complets en randomisation, dans trois parcelles carrées répétées de neuf arbres (3x3), à l'aide de matériel de pépinière de quatre ans.

Sept plantations expérimentales ou sites, désignées comme étant la série de tests G, ont été établies dans la région 3E (Hills, 1961) à l'automne 1974 et au printemps 1975 (Morgenstern, 1978). Un test a été réalisé dans chacun des six districts de la région 3E et un deuxième test dans le grand district de Cochrane (Morgenstern, 1972). Au total, la série G comportait l'étude de 132 familles, dont 90 à 124 étaient représentées dans chacun des tests individuels (tableau 2, carte 1).

La série de plantations I, composée de six tests, a été établie dans la région 3W au printemps de 1976. Au total, 115 familles ont été utilisées et chacun des tests portait sur 70 à 87 familles (tableau 2). Les arbres du test I8 (Crystal River) ont brûlé en 1976 mais ont été remplacés l'année suivante par du matériel de surplus.

Six plantations expérimentales, constituant la série J, ont été établies au printemps de 1977 dans la région 4S. Chacun des tests portait sur 57 à 74 familles choisies parmi 102 familles au total.

Tableau 1. Populations échantillonnées

Série G: Région 3E

Numéro de la population	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de familles
50	Timagami	79°55'	47°05'	4
51	Lac Abitibi	80°10'	48°50'	8
6906	Foleyet	82°23'	48°12'	15
6907	Timmins	81°25'	48°32'	15
6908	Iroquois Falls	80°38'	48°59'	15
6909	Rivière Otasawin	85°05'	49°45'	15
6914	White River	85°20'	48°38'	13
6915	Manitouwadge	85°47'	49°08'	11
73	Verger de graines de Moonbeam	82°30'	49°20'	36

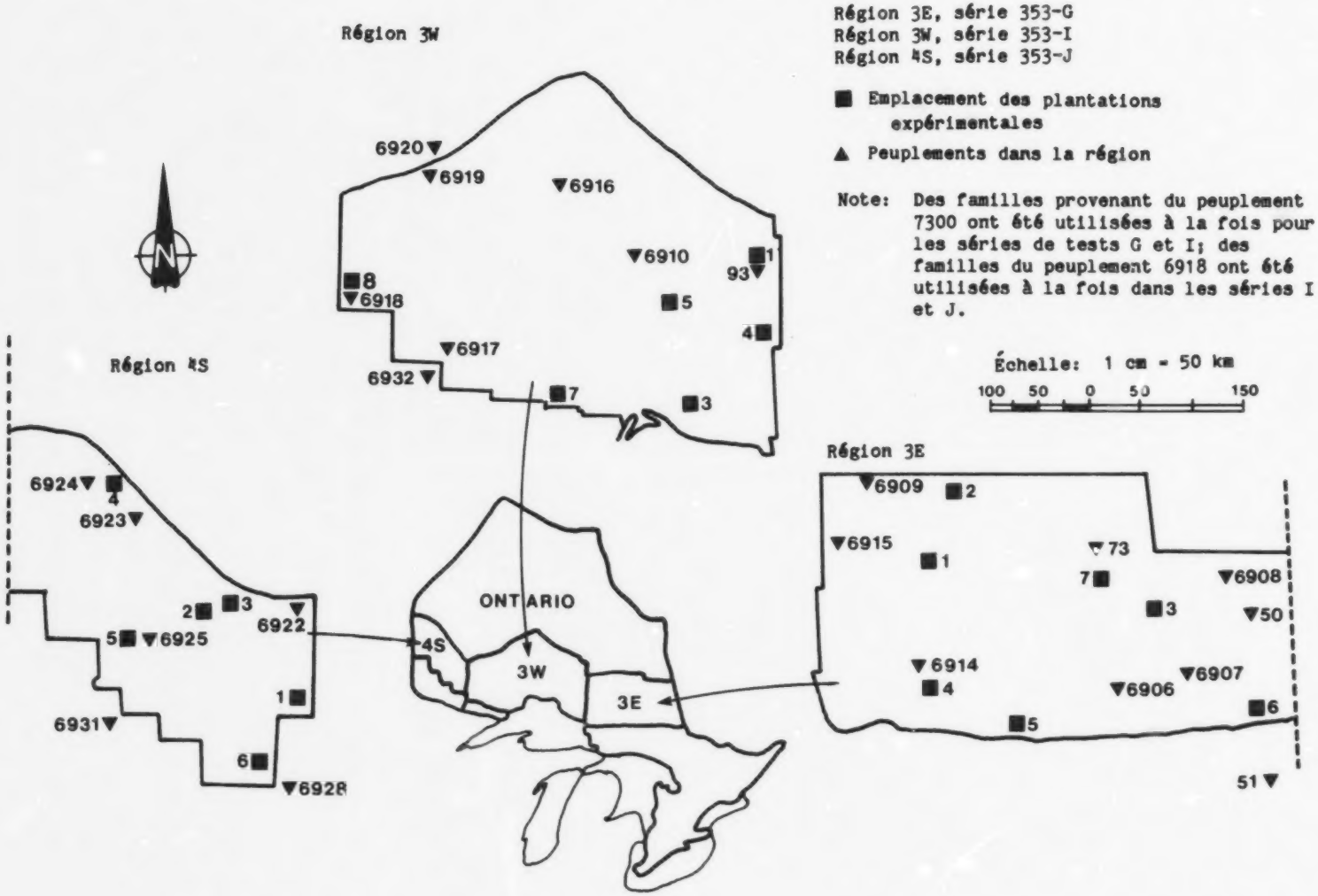
Série I: Région 3W

Numéro de la population	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de familles
93	Pépinière Woodlands	86°20'	49°45'	11
6910	Beardmore	87°50'	49°40'	14
6916	Armstrong	89°11'	50°18'	15
6917	Upsala	90°27'	49°00'	15
6918	Ignace	91°31'	49°25'	15
6919	Savant Lake	90°41'	50°19'	16
6920	Minchin Lake	90°34'	50°44'	15
6932	Shebandowan	90°11'	48°40'	14

Série J: Région 4S

Numéro de la population	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de familles
6918	Ignace	91°31'	49°25'	13
6922	Sioux Lookout	91°40'	50°13'	15
6923	Perrault Falls	93°20'	50°24'	14
6924	Red Lake	93°44'	50°53'	14
6925	Vermillion Bay	93°30'	49°50'	17
6928	Atikokan	91°40'	48°44'	14
6931	Nestor Falls	93°55'	49°20'	15

Carte 1: Emplacement des plantations expérimentales et des peuplements forestiers parentaux pour les trois séries de tests de descendance par pollinisation libre réalisés dans le nord de l'Ontario.



Région 3E, série 353-G
Région 3W, série 353-I
Région 4S, série 353-J

■ Emplacement des plantations expérimentales

▲ Peuplements dans la région

Note: Des familles provenant du peuplement 7300 ont été utilisées à la fois pour les séries de tests G et I; des familles du peuplement 6918 ont été utilisées à la fois dans les séries I et J.

Tableau 2. Emplacement des plantations expérimentales

Série G: Région 3E

Test	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de peuplements	Nombre de familles
G1	Hornepayne, township de Farquhar	84°30'	49°20'	9	124
G2	Hearst, township de Rogers	84°10'	49°55'	7	90
G3	Cochrane, township de Duff	81°06'	48°50'	7	92
G4	White River, township de Dahl	85°00'	48°20'	9	106
G5	Chapleau, township de Marshall	83°22'	47°57'	9	99
G6	Kirkland Lake, township de Dunmore	80°21'	48°10'	9	110
G7	Kapuskasing, township de Nansen	82°07'	49°28'	7	101

Série I: Région 3W

Test	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de peuplements	Nombre de familles
I1	Geraldton, ruisseau Hoiles	86°25'	49°40'	8	78
I3	Geraldton, rivière Aguasabon	87°10'	48°55'	8	70
I4	Manitouwadge	86°05'	49°10'	8	76
I5	Nipigon, rivière Sturgeon	87°15'	49°35'	8	87
I7	Thunder Bay, Camp 11	89°07'	48°40'	8	84
I8	Ignace, rivière Crystal	91°25'	49°45'	8	80

Série J: Région 4S

Test	Lieu	Long. (°W)	Lat. (°N)	Nombre de peuplements	Nombre de familles
J1	Ignace, lac Milky	91°55'	50°45'	7	57
J2	Dryden, township de Rugby	93°00'	49°55'	7	57
J3	Sioux Lookout, township de Lomond	92°25'	50°05'	7	74
J4	Red Lake, ruisseau Dixie	93°45'	50°50'	7	73
J5	Kenora, lac Sheila	93°52'	49°40'	7	69
J6	Fort Francis, Mine Centre	92°25'	48°40'	7	62

Entre 1980 et 1982 les hauteurs des arbres ont été notées pour tous les tests, lorsque les arbres ont eu 10 ans. Les données obtenues ont été soumises à une analyse de variance pour chacun des sites d'étude, selon les modèles suivants:

a) Arbres pris individuellement:

$$y_{ijkl} = \mu + P_{ijk} + e_{ijkl}$$

où y_{ijkl} = hauteur du $l^{ième}$ arbre dans la $k^{ième}$ famille provenant du $j^{ième}$ peuplement forestier planté dans la $i^{ième}$ répétition,

μ = hauteur moyenne expérimentale,

P_{ijk} = effet de la $ijk^{ième}$ parcelle, et

e_{ijkl} = erreur intra-parcelle.

b) Moyennes des parcelles:

$$y_{ijk} = \mu + r_i + s_j + f_{(kj)} + e_{ijk}$$

où y_{ijk} = moyenne de la $k^{ième}$ famille provenant du $j^{ième}$ peuplement dans la $i^{ième}$ répétition,

μ = moyenne expérimentale des moyennes de parcelles,

r_i = effet de la $i^{ème}$ répétition,

s_j = effet du $j^{ième}$ peuplement,

$f_{(kj)}$ = effet de la $k^{ième}$ famille provenant du $j^{ième}$ peuplement, et

e_{ijk} = erreur résiduelle inter-parcelle (famille x répétition).

Ces deux modèles permettent d'obtenir des tableaux d'analyse de variance et des carrés moyens probables (voir tableau 3), d'où l'on tire des estimations de l'héritabilité au sens strict selon les formules suivantes:

a) h^2, arbre pris individuellement = $\dfrac{4\,\sigma_f^2}{\sigma_w^2 + \sigma_p^2 + \sigma_s^2 + \sigma_f^2}$

où σ_f^2 = composante de la variance due aux familles intra-peuplement,

σ_s^2 = composante de la variance due aux peuplements,

σ_p^2 = composante de la variance due à l'erreur résiduelle inter-parcelle,

Tableau 3. Tableaux d'analyse de la variance

1. Plantations prises individuellement, analyse inter-parcelle.

Source	Degré de liberté	Carrés moyens probables
Erreur inter-parcelle	rsf-1	
Erreur intra-parcelle		
Erreur	rsf(n-1)	σ^2_w

2. Plantations prises individuellement, analyse inter-parcelle des moyennes.

Source	Degré de liberté	Carrés moyens probables
Répétitions	r-1	
Peuplements	s-1	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p + r\sigma^2_f + rf\sigma^2_s$
Familles dans les peuplements	s(f-1)	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p + r\sigma^2_f$
Erreur résiduelle inter-parcelle	(sf-1)(r-1)	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p$

3. Ensemble des plantations, analyse inter-parcelle des moyennes.

Source	Degré de liberté	Carrés moyens probables
Plantations	t-1	
Répétitions intra-plantations	t(r-1)	
Peuplements	s-1	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p + t\sigma^2_g + tr\sigma^2_f + trf\sigma^2_s$
Familles dans les peuplements	s(f-1)	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p + t\sigma^2_g + tr\sigma^2_f$
Interaction génotype-milieu	(t-1)(sf-1)	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p + t\sigma^2_g$
Erreur résiduelle inter-parcelle, intra-plantation	t(r-1)(sf-1)	$\sigma^2_w/n + \sigma^2_p$

où f = nombre moyen de familles par peuplement. Tous les autres symboles sont expliqués dans le texte.

σ_w^2 = composante de la variance due à l'erreur intra-parcelle.

$$b)\ h^2, \text{famille} = \frac{\sigma_f^2}{\frac{\sigma_w^2}{nrs} + \frac{\sigma_p^2}{rs} + \frac{\sigma_s^2}{s} + \sigma_f^2}$$

où n = moyenne harmonique du nombre d'arbres par parcelle,

r = nombre de répétitions,

s = nombre de peuplements.

La valeur théorique probable pour des demi-fratries, soit quatre, a été utilisée comme coefficient dans la formule pour déterminer l'héritabilité d'un arbre pris individuellement. À cause des faiblesses déjà soulignées des hypothèses et de la petite population réelle de mâles chez certaines espèces (par exemple Cheliak, 1983) ce coefficient devrait être diminué. Toutefois, les tailles réelles de plusieurs populations d'épinettes noires du Nouveau-Brunswick s'étant révélées très importantes (Boyle, 1985a) et, en l'absence d'autres renseignements, le coefficient choisi devrait être adéquat. Pour chacune des séries de tests, une analyse de la variance pour l'ensemble des plantations a également été réalisée. L'équation utilisée pour l'analyse intra-parcelle était identique à celle utilisée pour les plantations individuelles à cela près qu'un indice a été ajouté pour décrire l'emplacement. Dans le cas de l'analyse des moyennes des parcelles, cependant, le modèle suivant a été utilisé:

$$y_{ijkl} = \mu + t_l + r_{(il)} + s_j + f_{(kj)} + g_{jkl} + e_{ijkl}$$

où y_{ijkl} = moyenne de la $k^{ième}$ famille provenant du $j^{ième}$ peuplement dans la $i^{ième}$ répétition plantée au $l^{ième}$ site,

t_l = effet du $l^{ième}$ site,

μ = moyenne des moyennes de parcelles pour l'ensemble des plantations,

$r_{(il)}$ = effet de la $i^{ième}$ répétition sur le $l^{ième}$ site,

g_{jkl} = interaction famille-milieu entre la $jk^{ième}$ famille et le $l^{ième}$ emplacement,

e_{ijkl} = erreur résiduelle inter-parcelle, inter-plantation,

s_j et $f_{(kj)}$ = tels que donnés précédemment.

Ce modèle permet d'obtenir un tableau d'analyse des variances et des carrés moyens probables (voir tableau 3), ce qui donne des estimations de l'héritabilité au sens strict selon l'équation suivante:

a) h^2, arbre pris individuellement = $$\frac{4\,\sigma^2_{f'}}{\sigma^2_{w'} + \sigma^2_{p'} + \sigma^2_{g'} + \sigma^2_{s'} + \sigma^2_{f'}}$$

b) h^2, famille = $$\frac{\sigma^2_{f'}}{\frac{\sigma^2_{w'}}{ntrs} + \frac{\sigma^2_{p'}}{trs} + \frac{\sigma^2_{g}}{ts} + \frac{\sigma^2_{s'}}{s} + \sigma^2_{p'}}$$

où σ^2_g = composante de la variance due à l'interaction génotype-milieu,

t = nombre de plantations. Des symbols <<prime>> sont utilisés pour distinguer les estimations des composantes de la variance pour l'ensemble des plantations des estimations par plantation.

Parce que le milieu, sur lequel on ne peut exercer qu'un contrôle très faible, a une influence beaucoup plus longue sur les arbres que sur les cultures annuelles, l'accent devrait plutôt porter, d'après Burdon (1977), sur l'influence du milieu plutôt que sur celle des génotypes dans l'interaction génotype-milieu. Étant donné que l'on produit sans cesse de nouveaux génotypes qui sont utilisés dans des milieux relativement constants, les résultats de tests de descendance devraient servir à caractériser ces milieux.

Les milieux dans lesquels les résultats des tests de descendance sont semblables, se comporteraient probablement de la même manière pour des plantations commerciales et devraient donc appartenir à la même zone d'amélioration génétique. Aux fins de la délimitation des zones d'amélioration génétique, deux milieux présentant des productivités différentes mais qui produisent des classements identiques des familles sont plus semblables que deux milieux dont la productivité est la même mais qui produisent des classements différents (Fox et Rosielle, 1982).

D'après Burdon (1977), les corrélations génétiques mesurées entre les plantations sont utiles à l'étude du rôle des milieux, parce que cela permet d'éviter certaines des carences statistiques de l'analyse de variance. Les corrélations génétiques (r_{gxy}) sont données par:

où $r_{gxy} = r_{xy} / (h_x \cdot h_y)$

r_{xy} = corrélation entre les rangs moyens des groupes aux plantations x et y, et

h^2_x et h^2_y sont les héritabilités des moyennes des groupes x et y

Donc, pour chacune des séries de tests, les milieux ont été regroupés par analyse de grappes fondée sur les corrélations génétiques entre les classements par rang (SAS Institute Inc. 1982: Procédé VARCLUS). Afin de tenir compte des diverses familles et du nombre différent de familles utilisées pour chacun des tests, les rangs ont été exprimés sous forme de proportions. Par exemple, la famille qui se classe 62^{ième} sur 124 au site G1 aurait un rang identique (0,5) à celui de la famille qui se classe 45^{ième} sur 90 au site G2.

L'une des faiblesses de la délimitation rigide de zones d'amélioration génétique est celle de la présence de limites. Cela veut dire que peu importe où celles-ci sont tracées, des sites adjacents, semblables l'un à l'autre, peuvent être classés dans des zones distinctes. L'une des manières de résoudre ce problème est de déterminer des zones se recouvrant partiellement; cette méthode est préférable sur le plan de la génétique, mais cause des problèmes, heureusement surmontables sur le plan administratif.

Nous avons donc appliqué une méthode d'analyse de grappes se recouvrant partiellement (Sarle 1983: Procédé OVERCLUS) aux corrélations génétiques, basées sur les rangs, calculées pour chaque paire de plantations.

Comme les corrélations sont fondées sur des rangs plutôt que sur des données brutes, les héritabilités des familles devraient également être fondées sur des rangs. Afin d'effectuer une estimation de l'héritabilité des familles pour ce qui est des rangs, le rang d'une famille dans chacune des trois répétitions à une plantation a été traité comme étant une observation individuelle de paramètre. Une analyse de variance a donc pu être réalisée selon le modèle suivant:

$$y_{ijk} = \mu + s_i + f_{(ij)} + e_{ijk}$$

où y_{ijk} = rang de la $j^{ième}$ famille provenant du $i^{ième}$ peuplement dans la $k^{ième}$ répétition

s_i = effet du $i^{ième}$ peuplement

$f_{(ij)}$ = effet de la $j^{ième}$ famille

e_{ijk} = erreur résiduelle.

<<L'héritabilité des familles pour ce qui est des rangs>> est alors donnée par:

$$h^2, \text{familles} = \frac{\sigma_f^2}{\frac{\sigma_e^2}{rs} + \frac{\sigma_s^2}{s} + \sigma_f^2}$$

où σ_e^2 est la composante de la variance due à l'erreur résiduelle. Tous les autres symboles sont tels que donnés précédemment. En pratique cependant, les corrélations génétiques calculées à partir de l'héritabilité des familles pour ce qui est des rangs et de la mesure habituelle de l'héritabilité des familles au dénominateur étaient très semblables et produisaient des résultats à peu près identiques pour les analyses de grappes.

À partir des analyses de grappes, des zones d'amélioration génétique homogènes ont été identifiées. Les familles et les peuplements forestiers représentés aux plantations expérimentales dans chacune des zones d'amélioration ont été classés selon leur performance moyenne dans cette zone. Les groupes de famille pour lesquels la performance n'était pas significativement différente ont été identifiés à l'aide de la méthode de séparation des

moyennes de Scott et Knott (1974) à l'aide d'une adaptation du programme FORTRAN préparé par Gates et Bilbro (1978).

RÉSULTATS ET DISCUSSION

1. Héritabilité et composantes de la variance

Le tableau 4 donne les estimations des composantes de la variance et des héritabilités au sens strict pour des arbres pris individuellement et pour des familles, par emplacement. Les estimations de l'héritabilité variaient de 0 à 0,399 dans le cas des arbres pris individuellement et de 0 à 0,896 dans le cas des familles. Les valeurs de 0 provenaient de la plantation expérimentale G1 où une composante de la variance négative a été estimée pour les familles intra-peuplements. Les moyennes d'héritabilité pour l'ensemble des plantations étaient de 0,169 pour les arbres pris individuellement et de 0,663 pour les familles.

Dans toutes les plantations expérimentales, la composante de variance intra-parcelle était de loin la plus importante, suivie de l'erreur résiduelle inter-parcelle. Dans la plupart des cas, la composante de la variance due aux familles intra-peuplement était plus importante que celle due aux peuplements. Cela était particulièrement vrai pour la série J où la première était en moyenne plus de dix fois celle de la seconde. Cependant, dans la série G, la composante famille de la variance était en moyenne de seulement 50 % supérieure à la composante peuplement alors que dans la série I, la différence était encore plus faible.

Les estimations résultant des analyses portant sur l'ensemble des plantations sont également données au tableau 4. Les résultats sont en général très voisins de ceux des analyses pour les plantations individuelles. Par exemple, dans la série G l'estimation pour l'héritabilité des arbres pris individuellement était la plus petite (0,099) et dans la série J, les estimations étaient les plus élevées, pour les arbres pris individuellement (0,152) et pour les familles (0,930). En outre, la composante de la variance due aux peuplements, par rapport à la composante due aux familles dans les peuplements, était plus élevée dans la série I et plus petite dans la série J où, en fait, nous avons obtenu une estimation négative.

Les estimations de l'héritabilité données ci-dessus sont, bien sûr, fondées sur du matériel relativement jeune (10 ans). L'utilisation de valeurs de l'héritabilité estimées à partir de matériel jeune pour tenter de déterminer les gains génétiques futurs exige des précautions pour plusieurs raisons. D'abord, ces estimations sont généralement fondées sur un taux de croissance individuel qui ne tient pas compte de la compétition entre les arbres. Sous couvert forestier serré, les familles ou arbres choisis parce qu'ils croissent rapidement au début ne maintiendront pas nécessairement leur supériorité et le développement accéléré du peuplement peut accroître leur mortalité (Cannell, 1982; Talbert, 1982). De même, il a été montré pour plusieurs espèces que les estimations d'héritabilité pour la croissance en hauteur tendent à décroître avec l'âge (Namkoong et al., 1972; Ying et Morgenstern, 1979; Birot et Christophe, 1983). Bien que les estimations faites à partir de matériel de 10 ans seront marquées par quelques-uns de ces problèmes, elles seront quand même beaucoup plus fiables que les estimations

Tableau 4. Estimations des composantes de la variance et des héritabilités au sens strict pour chaque plantation expérimentale et pour chaque série de tests

Série G

	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	Moyenne	Ensemble
σ^2_w =	532,84	681,20	686,55	288,83	486,24	444,93	215,11		477,09
σ^2_p =	273,18	256,25	138,93	125,84	88,37	260,50	102,24		234,43
σ^2_g =									17,52
σ^2_f =	-12,81	38,40	26,23	13,13	66,15	10,73	14,54		18,66
σ^2_s =	9,93	25,42	13,44	11,20	22,74	15,40	12,14		7,89
h^2_s =	0,000	0,153	0,121	0,120	0,399	0,059	0,169	0,146	0,099
h^2_f =	0,000	0,648	0,641	0,630	0,880	0,438	0,626	0,552	0,886

Série I

	I1	I3	I4	I5	I7	I8	Moyenne	Ensemble
σ^2_w =	602,28	596,90	792,33	556,94	899,48	363,08		628,06
σ^2_p =	192,03	70,14	185,37	106,62	233,12	210,79		140,96
σ^2_g =								16,36
σ^2_f =	30,48	64,26	37,58	50,54	21,41	6,20		25,20
σ^2_s =	15,55	24,09	92,01	32,28	18,18	9,28		24,06
h^2_s =	0,145	0,340	0,136	0,271	0,073	0,042	0,175	0,121
h^2_f =	0,727	0,896	0,662	0,842	0,605	0,395	0,697	0,836

Série J

	J1	J2	J3	J4	J5	J6	Moyenne	Ensemble
σ^2_w =	856,78	855,79	705,09	1087,81	565,69	918,56		828,90
σ^2_p =	259,88	341,12	391,44	318,47	143,18	103,73		233,13
σ^2_g =								20,17
σ^2_f =	46,92	58,76	49,16	73,28	42,98	61,98		42,61
σ^2_s =	5,98	3,41	-8,43	11,00	2,09	-3,71		-1,85
h^2_s =	0,160	0,187	0,172	0,197	0,228	0,229	0,189	0,152
h^2_f =	0,714	0,728	0,682	0,777	0,797	0,848	0,758	0,930

Note: σ^2_w = composante de la variance due à l'erreur intra-parcelle

σ^2_p = composante de la variance due à l'erreur résiduelle inter-parcelle

σ^2_g = composante de la variance génotype-milieu

σ^2_f = composante de la variance due aux familles à l'intérieur d'un peuplement

σ^2_s = composante de la variance due aux peuplements

h^2_s = héritabilité au sens strict fondée sur les arbres pris individuellement

h^2_f = héritabilité au sens strict fondée sur les moyennes d'une famille

<<Ensemble>> = estimations pour l'ensemble des tests d'une série

faites en pépinière, sur lesquelles la plupart des estimations d'héritabilité existantes pour l'épinette noire sont fondées.

L'estimation moyenne pour l'ensemble des plantations, de 0,124 dans le cas de l'héritabilité pour les arbres pris individuellement, comparée aux estimations de Morgenstern (1973, 1974, 1975), qui varient de 0,18 à 0,42 pour du matériel de reproduction de pépinière, révèle une probable diminution avec l'âge pour l'épinette noire. Birot et Christophe (1983) ont montré que pour le Douglas taxifolié (Pseudotsuga menziesii [Mirb.] Franco) et l'épinette de Sitka (Picea sitchensis [Bong.] Carr.), les estimations de l'héritabilité avaient tendance à se stabiliser une fois passé l'âge d'à peu près six ans; les estimations obtenues dans la présente étude pourraient par conséquent refléter relativement bien les estimations futures faites à partir de matériel plus âgé.

Les très grandes différences, dans tous les cas, entre les estimations des héritabilités des arbres pris individuellement et des familles montrent bien l'efficacité des tests de descendance dans la détermination des génotypes supérieurs, en comparaison de la sélection massale (phénotype). Ces résultats indiquent que, pour l'épinette noire, une approche rapide et peu coûteuse à la sélection des arbres, suivie de l'application de tests de descendance, produira des gains économiques et génétiques beaucoup plus importants qu'un long programme de sélection des arbres ne comportant pas de tests de descendance.

Les différences entre les plantations, les répétitions dans une même plantation et les familles intra-peuplement étaient significatives au seuil de 0,1 % dans les trois séries. Les différences entre les peuplements étaient significatives au seuil de 0,1 % dans les séries G et I mais non significatives dans la série J. L'interaction génotype-milieu était significative au seuil de 1 % dans les séries G et I mais de 5 % seulement dans la série J.

Les différences apparentes des proportions des composantes de la variance dues aux familles et aux peuplements dans les trois séries de tests pourraient être dues à l'erreur aléatoire, à des différences dans l'échantillonnage ou à de réelles différences dans la structure de la population dans les trois régions étudiées. Presque tous les peuplements utilisés pour ces tests l'ont également été pour une série de tests de provenance effectués à cinq endroits en Ontario. Âgés de 15 ans à partir du moment de la formation des graines, les peuplements forestiers de la série G se situaient entre le 23^{e} et 62^{e} rang sur 76 provenances au total; ceux de la série I se situaient entre le 5^{e} et le 30^{e} alors que ceux de la série J se situaient entre le 4^{e} et le 42^{e} (Boyle, 1985b). En termes de variations de la performance inter-peuplements, il ne semble donc pas que la série I devrait présenter une plus grande variabilité que les autres. Afin de mieux comprendre ces différences, il est nécessaire d'étudier la structure de la population, au moyen d'une analyse des izoenzymes intra et inter-peuplement dans chacune des séries.

2. Corrélations génétiques.

Les matrices des corrélations génétiques fondées sur les rangs moyens des familles dans les plantations expérimentales pour chacune des

séries sont données au tableau 5. Les corrélations génétiques pour la plantation 1 de la série G n'ont pu être calculées parce que l'héritabilité a été estimée à zéro. Mises à part les corrélations entre un emplacement et lui-même, les corrélations génétiques variaient de -0,257 entre les plantations J3 et J4 à 0,762 entre les plantations I5 et I7. En général, les corrélations génétiques entre des plantations adjacentes avaient tendance à être plus grandes que celles entre des sites plus éloignés.

3. Zones d'amélioration génétique.

L'interaction génotype-milieu significative présente dans les trois séries indique que les régions étudiées ne doivent pas être considérées comme étant des zones d'amélioration génétiques uniques. Dans chacune des séries, deux grappes discontinues ont pu être repérées en fonction des corrélations génétiques des rangs des familles (tableau 6). Dans les séries I et J, ces grappes étaient géographiquement distinctes. Les plantations I7 et I8 formaient une grappe éloignée des autres plantations I; les plantations J1, J2 et J3 formaient de même un groupe séparé et distinct. Dans la série G, des plantations éloignées faisaient partie de la même grappe alors que des sites voisins étaient dans certains cas séparés.

L'analyse de grappes se recouvrant partiellement permet d'identifier jusqu'à $2^n - 1$ grappes pour n endroits. Cependant, pour un nombre supérieur de grappes, les exigences en ressources informatiques augmentent rapidement (Sarle, 1983). Quoi qu'il en soit, avec six ou sept plantations, le nombre de grappes significatives est limité. Un maximum de trois grappes a donc été utilisé pour chacune des séries et les résultats sont donnés au tableau 6. Contrairement aux grappes discontinues, dans tous les cas sauf un, les grappes avec recouvrement partiel étaient géographiquement distinctes. La seule exception se trouvait dans la série J, où la troisième grappe incluait les sites 1, 2 et 4, mais non le 3.

Comme nous l'avons souligné précédemment, il serait difficile de gérer des zones d'amélioration génétique qui se recouperaient. L'on peut cependant combiner des grappes formées de sites se recouvrant pour produire des zones d'amélioration distinctes. Par exemple, dans la série J, le site 2 appartient aux trois grappes et, lorsque toutes ces grappes sont considérées, le site 2 est associé à tous les autres sites (tableau 6). D'autre part, le site 3 n'appartient qu'aux grappes 1 et 2 où il est associé aux sites 1, 2, 5 et 6 mais pas au 4. Le site 2 devrait donc être placé dans une zone d'amélioration distincte de celle du site 3. Dans le choix de génotypes supérieurs pour la plantation 2, il faudrait considérer les résultats de tous les sites alors que dans le cas du site 3, il faudrait considérer les résultats des sites 1, 2, 3, 5 et 6 seulement. Les sites 5 et 6 apparaissent ensemble dans une troisième zone d'amélioration et les données des sites 2, 3, 5 et 6 devraient être utilisées dans ce cas. Le site 4 forme la quatrième zone d'amélioration pour lesquelles les génotypes devraient être choisis en fonction des résultats des sites 1, 2 et 4. Le site 1 constituerait une cinquième zone d'amélioration mais n'appartient pas en fait à la région 4S. Les autres régions étudiées sont traitées de la même manière et les zones d'amélioration génétique produites sont illustrées sur la carte 2. Les régions 3E et 3W contiennent chacune cinq zones d'amélioration alors que la région 4S n'en contient que quatre, ce qui s'explique par la plus petite interaction génotype-milieu dans ce cas.

Tableau 5. Corrélations génétiques entre les rangs à 10 ans parmi tous les sites expérimentaux dans chacune des séries

Série G							
Site 1	-						
Site 2	-	1,543					
Site 3	-	0,175	1,560				
Site 4	-	-0,022	-0,116	1,587			
Site 5	-	0,123	-0,097	0,499	1,136		
Site 6	-	0,319	0,470	0,314	0,422	2,283	
Site 7	-	0,165	0,412	-0,150	-0,168	0,317	1,597
	Site 1	Site 2	Site 3	Site 4	Site 5	Site 6	Site 7
Série I							
Site 1	1,292						
Site 3	0,241	1,131					
Site 4	0,703	0,681	1,460				
Site 5	0,328	0,560	0,574	1,176			
Site 7	0,065	0,324	0,551	0,762	1,767		
Site 8	0,446	-0,011	0,143	0,306	0,596	2,353	
	Site 1	Site 3	Site 4	Site 5	Site 7	Site 8	
Série J							
Site 1	1,401						
Site 2	0,440	1,374					
Site 3	0,311	0,600	1,466				
Site 4	0,341	0,280	-0,257	1,285			
Site 5	0,074	0,161	0,350	0,093	1,255		
Site 6	0,279	0,271	0,319	-0,076	0,539	1,179	
	Site 1	Site 2	Site 3	Site 4	Site 5	Site 6	

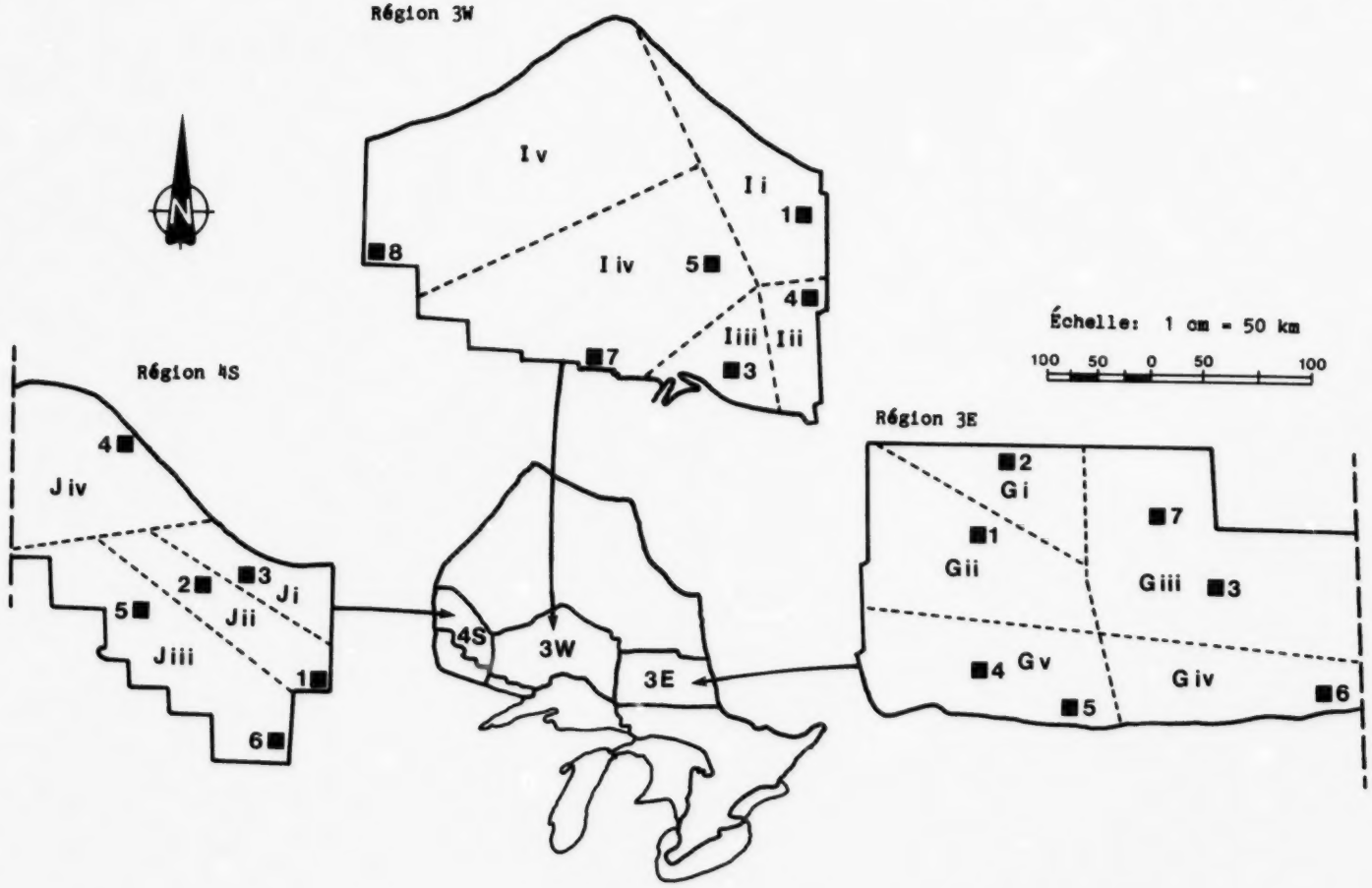
Tableau 6. Analyses de grappes des données sur le rang des familles à 10 ans

	Série G		Série I		Série J	
	Discontinu	À recouvrement partiel	Discontinu	À recouvrement partiel	Discontinu	À recouvrement partiel
Grappe 1	Sites 2,4,6	Sites 4,5,6	Sites 3,5,7,8	Sites 3,4,5,7	Sites 1,2,3	Sites 1,2,3
Grappe 2	Sites 3,5,7	Sites 2,3,6,7	Sites 1,4	Sites 1,4	Sites 4,5,6	Sites 2,3,5,6
Grappe 3		Sites 2,4,5		Sites 5,7,8		Sites 1,2,4

Note: Les grappes discontinues ont été produites grâce au procédé VARCLUS (SAS Institute Inc. 1982). Les grappes à recouvrement partiel par le procédé OVERCLUS (Sarle, 1983).

Carte 2: Zone d'amélioration génétique dans les trois régions étudiées

■ Emplacement des sites expérimentaux



Le ministère des Richesses naturelles de l'Ontario, responsable des plantations d'enrichissement en Ontario, se compose de régions administratives qui regroupent chacune un certain nombre de districts. Malheureusement, les limites de ces régions ne coïncident pas avec les limites des régions étudiées. Par exemple, bien que la plus grande partie de la région 3E fasse partie de la région Nord, la plus grande partie de la région 3W se trouve dans la région Centre-nord et presque toute la région 4S, dans la région Nord-ouest. De même, les limites proposées des zones d'amélioration génétique pour l'épinette noire ne correspondent pas aux limites des districts (carte 3) ni aux limites établies dans le cadre des ententes sur la gestion forestière. Étant donné qu'il ne sera probablement pas possible qu'une seule zone de gestion forestière ou un seul district soit divisé en trois zones d'amélioration ou plus, il faut tenter de faire coïncider le mieux possible les limites des zones d'amélioration et les limites administratives.

Nous proposons donc, à titre d'essai, le découpage suivant des zones d'amélioration génétique pour l'épinette noire dans le nord de l'Ontario, d'ici à ce que nous obtenions des données plus définitives:

Région Nord:

Zone 1 - district de Hearst nord
Zone 2 - district de Hearst sud
Zone 3 - districts de Kapuskasing et de Cochrane
Zone 4 - districts de Kirkland Lake, de Timmins et de Gogama
Zone 5 - district de Chapleau

Région Centre-nord:

Zone 1 - district de Geraldton
Zone 2 - districts de Terrace Bay et de White River
Zone 3 - districts de Nipigon sud, de Thunder Bay et d'Atikokan
Zone 4 - district de Nipigon nord

Région Nord-ouest:

Zone 1 - districts de Ignace est et de Sioux Lookout
Zone 2 - districts de Ignace ouest et de Dryden nord-est
Zone 3 - districts de Dryden sud-ouest, de Fort Francis et de Kenora
Zone 4 - district de Red Lake

4. Séparation des moyennes.

Comme nous l'avons souligné précédemment, cette série de tests de descendance était destinée entre autres à identifier les familles supérieures à inclure dans les programmes d'amélioration génétique (Morgenstern, 1978). La présente contribution est valable même si la quantité de matériel nécessaire à ces programmes est beaucoup plus importante que ce qui peut être produit par la sélection dans ces tests de descendance (Morgenstern, 1978). Pour chacune des zones d'amélioration génétique, la performance moyenne de toutes les familles aux sites pour lesquels les résultats doivent être inclus a été calculée. Les 20 familles les plus grandes dans chacune des zones ainsi que les rangs des peuplements sont donnés au tableau 7. Les familles qui

Carte 3: Régions et districts du ministère des Richesses naturelles de l'Ontario

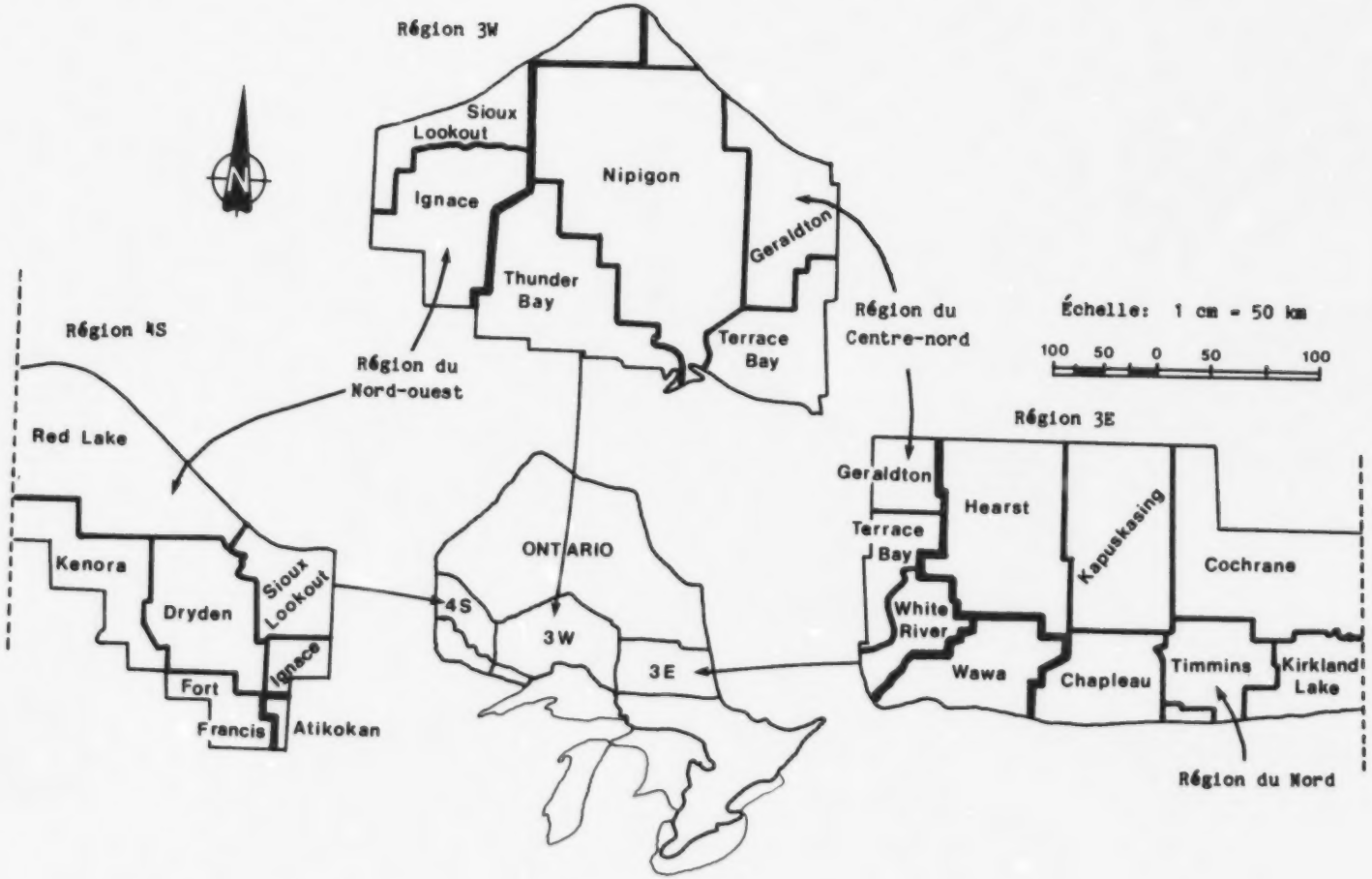


Tableau 7. Les 20 familles les plus hautes dans chacune des zones d'amélioration génétique, leur hauteur à 10 ans (en cm) et le classement des peuplements. Les grappes de familles obtenues par la méthode Scott-Knott sont séparées par des traits soulignés. Dans le numéro des familles, les deux premiers chiffres correspondent au numéro du peuplement et les deux derniers au numéro de l'arbre

Série G

Rang	Zone G i		Zone G ii		Zone G iii		Zone G iv		Zone G v	
1	5102	128,42	712	112,35	1503	137,36	1503	137,36	1503	110,93
2	1503	110,93	904	111,11	5102	128,42	5102	128,42	7321	102,72
3	5103	105,40	1503	110,93	1504	117,64	1504	117,64	905	100,12
4	1504	100,04	7321	110,74	807	110,19	807	110,19	1504	100,04
5	7341	99,20	5075	108,13	1502	109,07	5105	108,61	712	99,05
6	905	95,22	7341	104,92	5105	108,61	5103	105,40	7326	98,78
7	7321	94,71	707	102,67	7311	108,15	7341	100,43	7313	98,40
8	7326	94,26	7313	102,40	7341	107,53	7323	97,58	7331	98,24
9	712	93,46	7326	102,15	5103	105,40	7313	97,00	7341	98,21
10	7311	93,33	7331	101,00	905	103,16	7326	96,46	7315	97,42
11	5105	93,30	1504	100,20	7323	103,15	7311	95,98	7332	95,71
12	601	93,05	7328	99,94	601	102,94	601	95,89	7328	94,98
13	7332	92,35	905	99,57	614	102,18	905	95,56	7335	94,00
14	7313	92,24	7332	98,56	7332	101,83	7345	95,42	904	93,95
15	7323	92,13	806	97,80	7324	100,04	732!	94,82	1405	93,93
16	5101	91,90	7319	97,32	7335	99,49	7332	94,58	707	93,16
17	1502	91,14	7315	97,17	1513	99,47	7324	94,11	7319	92,91
18	807	90,74	911	96,91	7327	99,12	5085	93,93	911	91,94
19	1405	90,74	1405	96,86	7340	98,89	1502	92,76	7324	91,82
20	7331	90,70	1502	96,32	7326	98,42	7331	92,13	7320	91,70

Classements des peuplements

Rang										
1	51	91,09	9	91,84	51	101,34	51	98,64	73	88,85
2	73	85,28	73	91,49	15	94,10	73	87,10	9	87,69
3	50	84,05	50	87,28	73	90,60	9	85,06	7	84,06
4	9	83,58	7	87,28	9	87,91	15	83,63	50	84,05
5	7	82,75	8	82,29	7	86,90	7	82,82	15	81,89
6	8	78,80	15	82,22	8	84,16	8	80,21	8	78,32
7	15	78,41	51	78,28	14	83,44	50	77,19	51	78,18
8	6	76,75	6	77,64	50	81,06	6	76,08	6	77,15
9	14	73,33	14	76,18	6	80,75	14	72,93	14	74,30

Classements des peuplements dans les tests de provenance (Boyle, 1985b)

6	23e
15	25e
14	44e
9	47e
7	49e
8	62e

Tableau 7 (suite)

Série I

Rang	Zone I i		Zone I ii		Zone I iii		Zone I iv		Zone I v	
1	2007	117,48	1910	121,34	3203	134,17	1900	116,48	1008	130,95
2	1814	109,73	1900	116,48	1910	121,34	3208	115,96	1804	123,92
3	3208	109,39	3208	115,96	1814	118,25	1910	111,10	3208	122,54
4	1705	107,62	1809	115,88	1711	117,32	3203	110,73	1913	122,04
5	1809	107,22	3209	115,63	1900	116,48	1814	110,36	1912	122,00
6	1707	105,88	1609	111,16	3208	115,96	1809	109,96	1900	116,48
7	1609	105,24	1814	110,79	1809	115,88	1901	109,48	1910	115,17
8	1813	105,07	1810	110,72	3209	115,63	1711	107,74	1805	114,22
9	1906	104,35	3203	108,96	2014	113,40	1805	107,49	1001	112,35
10	1704	103,99	1711	108,80	2012	112,71	3201	106,70	1809	110,88
11	1811	103,36	1608	106,76	3202	112,56	1715	106,57	3203	110,73
12	1702	102,02	9323	106,55	3201	112,55	3202	105,11	3207	109,64
13	1701	100,56	1702	104,82	1901	112,27	1912	104,54	1901	109,48
14	1916	100,27	1714	104,53	1715	111,88	1001	104,16	1603	108,96
15	1001	100,08	2007	104,05	1714	111,80	1609	103,88	1608	108,73
16	1708	99,89	1907	103,33	1805	111,54	3209	103,41	1606	108,36
17	1907	99,85	2011	102,93	1609	111,16	1603	103,11	1610	108,36
18	1915	99,46	1805	102,89	1810	110,72	3207	102,84	1711	106,71
19	1810	99,24	3207	102,84	1702	110,30	1606	102,22	3201	106,70
20	1912	99,14	1912	101,84	1902	109,34	2014	102,20	1715	106,57

Classements des peuplements

Rang										
1	17	93,17	32	96,62	32	101,65	19	97,42	32	103,59
2	18	91,92	19	96,31	19	99,74	32	96,56	19	99,06
3	19	88,44	17	95,78	17	99,74	17	96,16	16	97,15
4	20	85,97	18	95,09	18	98,73	18	95,60	18	97,15
5	16	85,61	16	92,64	20	94,25	16	92,96	17	93,63
6	32	84,65	20	90,19	16	94,15	20	90,30	10	91,35
7	10	82,65	10	85,06	10	87,76	10	87,13	20	89,28
8	93	71,25	93	75,90	93	76,30	93	75,86	93	78,21

Classements des peuplements dans les tests de provenance (Boyle, 1985b)

18	5e
19	7e
16	17e
20	18e
10	19e
17	20e
32	30e

Tableau 7 (suite)

Série J

Rang	Zone J i		Zone J ii		Zone J iii		Zone J iv	
1	2815	174,30	2815	174,30	2815	174,30	1810	160,30
2	2514	146,30	1810	160,30	2812	161,06	2517	160,04
3	2813	144,79	2514	146,02	2811	156,88	2403	155,12
4	2812	144,21	2813	144,79	2814	148,40	3112	153,36
5	3110	139,35	2812	144,21	2514	146,30	2215	152,75
6	2811	138,85	3110	139,35	2813	144,79	2402	147,55
7	1803	136,97	2811	138,85	2306	142,73	1814	146,02
8	2510	134,86	1803	136,97	3110	139,35	2514	145,74
9	2509	134,16	2311	135,76	1804	138,73	1807	145,74
10	2311	134,05	2510	134,86	2510	136,84	2302	145,24
11	3111	133,00	2509	132,53	2311	134,84	3114	140,98
12	2306	130,89	3111	132,35	3111	133,00	2413	139,95
13	2802	129,00	2211	129,74	1811	132,62	2305	139,53
14	2512	128,68	2802	129,00	2509	132,30	2207	138,78
15	1804	127,42	2517	128,93	1803	131,71	2201	138,29
16	1811	127,00	1804	127,42	2802	131,71	2510	137,67
17	2814	126,71	2512	126,94	3108	131,58	2211	137,51
18	3108	126,67	2407	126,78	2810	127,80	1803	136,97
19	2307	125,96	2814	126,71	2307	125,96	2407	136,49
20	2809	125,68	3108	126,67	1802	125,93	2214	135,71

Classements des familles

Rang								
1	28	126,26	28	127,23	28	131,30	18	132,45
2	18	116,00	18	123,87	18	114,76	24	131,47
3	31	113,83	24	117,39	31	113,58	22	131,15
4	23	113,77	25	117,16	23	112,51	25	127,13
5	25	112,30	22	116,61	25	110,30	31	126,15
6	22	111,68	31	116,46	24	109,25	23	125,95
7	24	110,83	23	115,47	22	109,14	28	116,25

Classements des familles dans les tests de provenance (Boyle, 1985b)

23	4e
18	5e
25	10e
24	11e
31	24e
28	39e
22	42e

formaient des groupes homogènes d'après la méthode de séparation des moyennes de Scott et Knott sont montrées par des traits soulignés.

Dans la série G, le peuplement 73 est classé parmi les trois peuplements supérieurs pour l'ensemble des cinq zones d'amélioration. Les familles du peuplement 73 provenaient d'un verger à graines ensemencé par la Spruce Falls Power and Paper Company en 1951 à sa pépinière de Moonbeam à Kapuskasing, à partir de semis ayant fait l'objet de sélection massale. Étant donné que ces arbres avaient déjà été soumis à une sélection partielle à la pépinière, il n'est pas étonnant que de nombreuses familles se classent très bien dans plusieurs des zones d'amélioration. Certains résultats anormaux sont apparus pour les peuplements représentés dans les tests de provenance. Dans le test de provenance de Chapleau, le seul test de provenance effectué dans la région 3E, le peuplement 6 se classe deuxième sur 56 provenances à 15 ans. Cependant, les familles de ce peuplement ont eu une performance très médiocre dans toutes les zones proposées d'amélioration génétique et se classaient parmi les deux dernières dans chacun des cas.

De même, dans la série I il existe une certaine dissimilitude entre les résultats des tests de provenance et de descendance. Le peuplement 32 était le pire de sept peuplements représentés dans le test de provenance à Thunder Bay. À l'autre test de provenance dans la région 3W, il était cinquième sur sept. Cependant, il s'est classé premier ou second dans toutes les zones d'amélioration à l'exception de la zone I i. Le peuplement 93, ensemencé en graines obtenues par pollinisation libre provenant du verger de clones de Kimberley-Clark à Longlac a donné les moins bons résultats dans toutes les zones.

Finalement, dans la série J, le peuplement 25, le meilleur dans le test de provenance de Dryden (sixième) a une performance moyenne ou faible dans les tests de descendance. D'autre part, le peuplement 18 (deuxième sur sept dans la série J pour le test de provenance) est également le premier ou le deuxième dans chacune des zones d'amélioration. Il y a un contraste frappant entre les zones d'amélioration J iii et J iv. Les quatre familles les plus grandes et celle venant au sixième rang proviennent toutes du peuplement 28 (Atikokan) dans le cas de la zone iii, alors que pour la zone iv, aucune des 20 familles les plus hautes ne provient de ce peuplement. Ces deux zones d'amélioration génétique devraient donc absolument être distinctes.

CONCLUSIONS

Il apparaît clairement, d'après les estimations faites pour chacune des plantations expérimentales ou pour l'ensemble des plantations, que l'héritabilité des familles au sens strict pour la croissance en hauteur chez l'épinette noire est plusieurs fois plus importante que l'héritabilité des arbres pris individuellement. La première conséquence de ce résultat est que la sélection de génotypes supérieurs fondée sur les tests de descendance est beaucoup plus efficace que la sélection fondée sur le phénotype (arbres-plus). Il serait donc plus économique de pratiquer une sélection rapide et de faible intensité chez l'épinette noire en Ontario.

Comparés à des estimations de l'héritabilité provenant de tests effectués précédemment en pépinière, les estimations obtenues ici pour du

matériel de 10 ans sont beaucoup plus faibles. Les gains génétiques prévus par unité de temps seront donc réduits. Cependant, d'après les résultats obtenus pour d'autres espèces (par exemple Birot et Christophe, 1983) on peut s'attendre à ce que les estimations d'héritabilité se stabilisent à partir d'à peu près 10 ans.

D'après l'analyse de grappes avec recouvrement partiel, quatre ou cinq zones d'amélioration génétique pourraient être identifiées dans chacune des régions étudiées. Étant donné que les limites de ces zones ne correspondent pas à celles des districts administratifs, il faut trouver un moyen de délimiter les zones d'amélioration génétique. Les zones que nous proposons ici peuvent servir de modèle initial pour les programmes d'enrichissement de l'épinette noire. Bien que des modifications et des améliorations devront être apportées à mesure que d'autres données seront disponibles, l'utilisation des zones d'amélioration suggérées assurera l'obtention d'un gain génétique supérieur à celui obtenu en l'absence de zones délimitées ou avec des zones désignées arbitrairement.

REMERCIEMENTS

L'auteur remercie sincèrement les docteurs C.W. Yeatman, G. Murray et E.K. Morgenstern, ainsi que M. J.V. Hood pour leurs conseils et leurs commentaires. Il a également apprécié l'aide de T. Moore et de R. Robinson pour l'utilisation du procédé OVERCLUS, et de W. Selkirk pour la préparation des cartes.

RÉFÉRENCES

Birot, Y.; Christophe, C. 1983. Genetic structures and expected genetic gains from multitrait selection in wild populations of Douglas fir and Sitka spruce. I. Genetic variation between and within populations. Silv. Genet. 32: 141-151.

Boyle, T.J.B. 1985a. The mating system and population structure of black spruce in central New Brunswick and its influence on tree improvement strategy. PhD Thesis, Univ. New Brunswick, Fredericton, N.B. 141 pp.

Boyle, T.J.B. 1985b. Range-wide provenance tests of black spruce in Ontario. Can. For. Serv., Petawawa Nat. For. Inst., Inf. Rep. PI-X-57. 36 pp.

Burdon, R.D. 1977. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding. Silv. Gen. 26: 168-175.

Cannell, M.G.R. 1982. 'Crop' and 'isolation' ideotypes: evidence for progeny differences in nursery grown Picea abies. Silv. Genet. 31: 60-66.

Cheliak, W.M. 1983. Temporal aspects of the mating system of Pinus banksiana. PhD Thesis, Univ. Alberta, Edmonton, Alta. 94 pp.

Coles, J.F. 1979. New Brunswick Tree Improvement Council makes impressive strides. For. Chron. 55.

Fox, P.N.; Rosielle, A.A. 1982. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. Euphytica 31: 645-656.

Gates, C.E.; Bilbro, J.D. 1978. Illustration of a cluster analysis method for means separations. Agron. J. 70: 462-465.

Giberson, L.L. 1983. Five-year height results of black spruce family tests in north-west New Brunswick. Unpubl. BSc Thesis, Univ. of New Brunswick, Fredericton, N.B. 40 pp.

Heinselman, M.L. 1957. Silvical characteristics of black spruce. USDA Forest Serv., Lake States For. Exp. Sta. Paper 45. 30 pp.

Hills, G.A. 1961. The ecological basis for land-use planning. Ont. Dep. Lands and Forests, Res. Dep. No. 46. 204 pp.

Morgenstern, E.K. 1972. Progeny tests of black spruce (Picea mariana (Mill.) B.S.P.) in boreal environments. IUFRO Mtg. of Working Gp. on Progeny Testing, Macon, Ga, Oct. 1972.

Morgenstern, E.K. 1973. Heritability and genetic gain for height growth in a nursery experiment with black spruce. Can. For. Serv., Petawawa Forest Exp. Stn., Inf. Rep. PS-X-44. 10 pp.

Morgenstern, E.K. 1974. A diallel cross in black spruce, Picea mariana (Mill.) B.S.P. Silv. Genet. 23: 67-70.

Morgenstern, E.K. 1975. Open pollinated progeny testing in a black spruce breeding program. Proc. 22nd Northeast. Forest Tree Improv. Conf., Syracuse, NY, August 1974. 8 pp.

Morgenstern, E.K. 1978. Establishment of cooperative black spruce progeny tests in Ontario 1974-1977. Proc. 16th Mtg. Can. Tree Improv. Assoc., Winnipeg, Man., June 1977. 5 pp.

Namkoong, G. 1966. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. Forest Sci. 12: 8-13.

Namkoong, G.; Usanis, R.A.; Silen, R.R. 1972. Age-related variation in genetic control of height growth in Douglas fir. Theor. Appl. Genet. 42: 151-159.

Rauter, R.M. 1979. The development of sound genetic material - seed orchards. Proc. Tree Improv. Symp., COJFRC Symp. Proc. O-P-7, Toronto, Ont., Sept. 1978: 82-94.

Sarle, W.S. 1983. The OVERCLUS Procedure. Pages 243-257 in SAS Institute Inc. Sugi Supplemental Library User's Guide, 1983 Edition. SAS Institute Inc., Cary, NC.

SAS Institute Inc. 1982. SAS User's Guide: Statistics. SAS Institute Inc., Cary, NC. 584 pp.

Scott, A.J.; Knott, M. 1974. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. Biometrics 30: 507-512.

Squillace, A.E. 1974. Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. Silv. Genet. 23: 149-156.

Stonecypher, R.W. 1966. Estimates of genetic and environmental variances and covariances in a natural population of loblolly pine (Pinus taeda L.). PhD Thesis, NC State Univ., Raleigh, NC. 127 pp.

Talbert, J.T. 1982. One generation of loblolly pine tree improvement: results and challenges. Pages 106-120 in Proc. 18th Mtg. Can. Tree Improv. Assoc., Duncan, BC., August 1981.

Ying, C.C.; Morgenstern, E.K. 1979. Correlations of height growth and heritabilities at different ages in white spruce. Silv. Genet. 28: 181-185.

Zobel, B.; Talbert, J.T. 1984. Applied Forest Tree Improvement. John Wiley, New York. 505 pp.